

Una mirada
.....
EVOLUCIONISTA
.....
sobre la pandemia de
.....
COVID 19

En este capítulo de “evolución a la deriva” les ofrecemos una perspectiva evolucionista sobre la pandemia de COVID-19. Como es sabido, COVID-19 (acrónimo inglés para *coronavirus disease 2019*) es una enfermedad infecciosa respiratoria causada por el virus SARS CoV2 (*coronavirus 2 del síndrome respiratorio agudo grave*). La infección por este virus se detectó por primera vez a fines de 2019 en Wuhan (China), y desde allí se propagó rápidamente por todo el mundo, configurando una pandemia de proporciones sin precedentes. Las consecuencias inmediatas, en términos de salud pública y economía, son difíciles de exagerar. Sin embargo, el objetivo de este ensayo no es describir esas consecuencias ni analizar los detalles técnicos del fenómeno sino ilustrar el gran poder de la teoría de la evolución para pensar con rigor diversos aspectos de la pandemia. Aunque muchos aspectos técnicos puedan cambiar o reinterpretarse en el futuro, no cambiarán en esencia nuestros principales análisis. Para decirlo de otro modo, la pandemia de COVID-19 y el SARS CoV2 serán una excusa para mostrar el poder de la teoría de la evolución como “herramienta conceptual”.

Entre las muchas preguntas (aún sin respuestas firmes) que emergen frente a la pandemia seleccionaremos tres. La primera cuestión que abordaremos es el virus influyendo en la evolución humana: ¿Estamos evolucionando los humanos en respuesta a la relación con este nuevo virus? ¿Está evolucionando el virus? Una segunda cuestión, muy discutida, es cuál es el origen del SARS CoV2 y, más específicamente, si el virus tiene un origen natural o artificial. La tercera pregunta deriva de la sugerencia (muy difundida en las redes sociales) de que esta pandemia es una suerte de reacción defensiva del planeta ante las agresiones que la especie humana le infringe (calentamiento global, extinción de especies, etc.). Estas preguntas guiarán nuestro análisis.

¿Están evolucionando el SARS CoV2 y la especie humana en respuesta a esta nueva relación?

Las personas suelen asumir que la evolución es un cambio que se da de un modo automático de acuerdo con las necesidades de los organismos. Sin embargo, según los actuales conoci-

tos científicos (ver “La orquídea balde y otros diez millones de especies” en el número 1 de *Azara*), no es así como suceden las cosas. Para que se produzca un proceso de evolución por selección natural en relación con un rasgo particular deben darse ciertas condiciones: (1) deben existir variaciones heredables para dicho rasgo (estas variaciones son producto de mutaciones genéticas aleatorias), (2) debe haber condiciones ambientales que hagan que los poseedores de ciertas variantes del rasgo dejen, en promedio, más descendientes de los poseedores de las variantes alternativas, y (3) las condiciones (1) y (2) deben mantenerse durante el número suficiente de generaciones como para que la frecuencia relativa de los individuos con la variante ventajosa pueda incrementarse en la población. Así, para pensar si los humanos y los virus evolucionarán en el contexto de esta pandemia debemos analizar si estas condiciones se cumplen para ambas entidades.

Empecemos con el virus. Como toda entidad que se replica y posee material genético (ARN en el caso de los coronavirus) resulta inevitable que se produzcan alteraciones de esa información genética debidas a errores en los procesos de copiado del material genético durante la replicación. Algunas de esas mutaciones generarán, inevitablemente, variantes heredables del virus. Dado que el tiempo de replicación del virus es muy breve y que sus poblaciones están formadas por billones de individuos, la cantidad de mutaciones que se producirán por unidad de tiempo será enorme. Así, surgirán todo el tiempo partículas virales con variaciones heredables en muchos de sus rasgos, entre ellos, la capacidad para invadir células hospedadoras de un tipo u otro y el grado de daño que produce al organismo hospedador (“virulencia”). Es, por lo tanto, inevitable que surjan versiones mutantes del virus que tengan alguna particularidad que incremente su potencial reproductivo. Por ejemplo, si una partícula viral porta una mutación que le confiere una ventaja a la hora de enfrentar la reacción inmunológica humana, las partículas virales con dicha mutación se replicarán y transmitirán con más eficacia, de modo que progresivamente irán reemplazando a la variante que no tiene esa mutación en las poblaciones virales. En síntesis, todo indica que el virus

debe estar evolucionando por selección natural porque cumple con las tres condiciones mencionadas antes.

¿Qué sucede con el caso de nosotros, los humanos? En el caso de nuestra especie, podemos asumir que la condición (1) se cumplirá. Es muy probable, en efecto, que haya personas que por alguna variación genética sean más resistentes al virus. Sin embargo, es difícil imaginar que se cumpla la condición (2): ¿por qué esas personas dejarían en promedio más hijos/as que quienes no tienen dicha variación genética? Considerando que la tasa de mortalidad por COVID 19 es baja y que afecta más gravemente a personas de edad avanzada no es probable que tener una mayor resistencia al virus se traduzca en una mayor descendencia. Tampoco es probable que se cumpla la condición (3): la pandemia lleva solo unos cinco meses y asumiendo que en uno o unos pocos años se contará con vacunas y/o tratamientos antivirales efectivos sus efectos no durarán muchas generaciones, por lo que aún en caso de que se cumpliera con la condición 2 sería poco probable que el resultado fuera un cambio evolutivo perceptible en nuestra especie. En síntesis, no es probable que las poblaciones humanas vayan a evolucionar mediante un proceso de selección de individuos resistentes al SARS CoV2.

En el caso de un patógeno y un animal silvestre se daría un proceso de “coevolución”, al que a veces se hace referencia con la metáfora de la “carrera armamentista”. La selección favorecería cualquier variante del patógeno que fuera más eficaz para explotar al hospedador al tiempo que favorecería cualquier variante del hospedador que fuera más eficaz para evadir y rechazar al patógeno. Este proceso no tiene fin, y es lo que lleva a la evolución acumulativa de sofisticadas estrategias de infección por parte de los patógenos y sofisticadas estrategias de defensa por parte de los hospedadores (nuestros complejos sistemas inmunitarios son producto de esta “carrera de armamentos”). En el caso humano, sin embargo, la “carrera armamentista” se dará probablemente entre las nuevas adaptaciones que la selección produzca en los virus y los avances tecnológicos de la medicina (y no las adaptaciones biológicas producto de la selección en humanos).

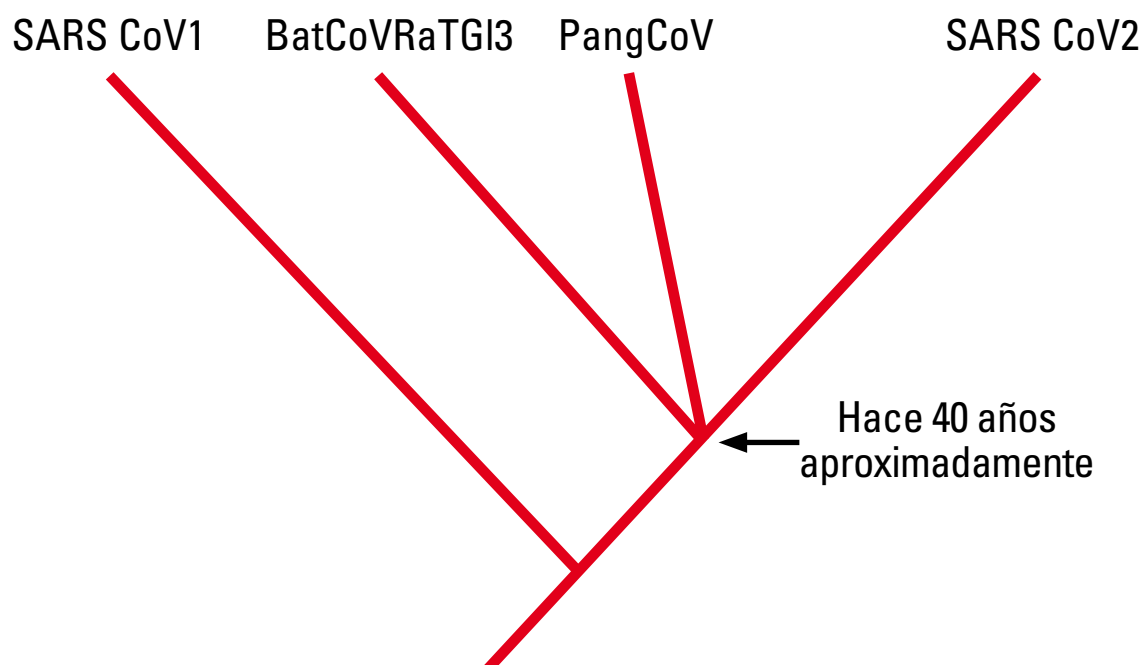


Figura 1. Relaciones filogenéticas entre el SARS CoV2 y otros virus semejantes. SARS CoV1 es el causante del *síndrome respiratorio agudo grave* (epidemia de 2003). SARS CoV2 es el causante del COVID 19. BatCoV RaTG13 (BatCoV, para abreviar) es un coronavirus que infecta ciertas especies de murciélagos, y PangCoV es un coronavirus que infecta ciertas especies de pangolines. Ilustración: Leonardo González Galli.

¿Es el SARS CoV2 producto de la selección natural o del diseño deliberado?

Lo primero que debemos reconocer es que no es imposible que el SARS CoV 2 tenga un origen artificial. En efecto, podría tratarse de un virus diseñado (en realidad, un virus preexistente más o menos modificado) en laboratorios, algo que se hace rutinariamente con diversos fines. Así, la posibilidad de un “escape” o -más siniestro aún- de una liberación intencional, con vaya uno a saber qué oscuros fines, son escenarios posibles. Ahora bien, una vez reconocidas estas posibilidades debemos decir que no existe, por el momento, ninguna evidencia que apoye la hipótesis del origen artificial. Por el contrario, todas las evidencias sugieren un origen natural. Hay dos líneas de argumentación relacionadas con la evolución que apuntan en esta dirección: una se basa en la reconstrucción de las relaciones de parentesco (filogenia) entre el SARS CoV2 y los virus de su clase ya conocidos, la otra se basa en la idea de “diseño subóptimo” de ciertas partes del virus.

Filogenia

Como hemos visto, el virus está evolucionando, lo que dará origen a numerosas variantes. Las actuales técnicas

de la biología molecular y evolutiva permiten (principalmente comparando la información genética) reconstruir la filogenia, es decir, el árbol que relaciona un dado conjunto de variantes (ver “La orquídea balde y otros diez millones de especies” en el número 1 de *Azara*) e inferir cuánto hace que se produjeron los eventos de divergencia, esto es, cuándo a partir de una única variante se diferenciaron dos. La pregunta es, entonces, qué nos sugiere la reconstrucción del árbol filogenético del SARS CoV2 y sus parientes cercanos acerca de su origen. En la **figura 1** vemos una versión muy esquemática de dicho árbol.

El árbol muestra que los parientes más cercanos del SARS CoV2 son el BatCoV y el PangCoV. El hecho de que las ramas de estos dos virus salgan de un mismo punto significa que no se sabe aún cuál de los dos está más cercanamente emparentado con el SARS CoV2. El árbol también nos dice que la diferenciación del SARS CoV2 tuvo lugar hace unos cuarenta años ¿Qué implican estos datos para la cuestión del origen del SARS CoV2? En primer lugar, si el SARS CoV2 fuera una creación humana la fuente más probable sería el *Wuhan Institute of Virology* (WIV) (esto se ha sugerido en ciertas

denuncias), ya que dicho centro de investigación se encuentra en la localidad en la que (aparentemente) surgió la pandemia y allí se trabaja con coronavirus. Ahora bien, el coronavirus que se investiga en el WIV es el BatCoV. Así, si el SARS CoV2 derivara de un escape (o una liberación intencional) del WIV, sería esperable que tuviera un estrecho parentesco con el BatCoV, ya que sería una variante de éste, derivada recientemente. Sin embargo, ambos virus no están tan estrechamente relacionados, lo que se infiere de las muchas diferencias genéticas acumuladas entre ambos, que retrotraen su separación evolutiva a un evento que tuvo lugar hace al menos cuarenta años¹. Así, lo más probable es que el SARS CoV2 derive de algún otro coronavirus, probablemente alguno aún no descubierto aún, y que infecta aún a alguna otra especie silvestre de la zona, otra de las tantas especies comercializadas en los mercados locales.

1. Nótese que la afirmación de que el BatCoV es, de entre los otros coronavirus conocidos, uno de los más cercanos al SARS CoV2 no es contradictoria con la afirmación de que ambos no son parientes especialmente cercanos.

Este análisis no agota los interrogantes sobre el origen del SARS CoV2, entre ellos: ¿Evolucionó en una especie no humana (murciélagos, pangolines, etc.) y solo recientemente se produjo el “salto de especie” a partir de algún contacto entre humanos y los animales fuente? ¿El SARS CoV2 evolucionó en humanos a partir de alguna variante precursora -ya presente en nuestra especie desde hace años- que no provocaba síntomas? De los 220 tipos de virus que infectan normalmente a los humanos, cada persona suele portar alrededor de 10 especies sin mayores síntomas. Al día de hoy no tenemos evidencias suficientes para evaluar estos y otros posibles diferentes escenarios. Todo esto es, sin dudas, muy especulativo. Por eso, quiero insistir en que no estoy afirmando que *así son las cosas*, sino que estoy intentando mostrar cómo la biología evolutiva nos aporta algunas piezas del rompecabezas que implica desentrañar esta compleja historia.

Diseño subóptimo

La segunda línea de argumentación se relaciona con el concepto de “diseño subóptimo” (ver ¿Es perfecta la naturaleza? en Azara, 5). Para comprender este argumento debemos preguntarnos cómo es que el SARS CoV2 (o cualquier otro virus) logra invadir las células hospedadoras². Los detalles de este proceso son fascinantes y complejos, pero aquí

me limitaré a señalar que el reconocimiento de la célula indicada (cada tipo de virus solo infecta uno o unos pocos tipos de células específicos) se realiza gracias a que en la cubierta del virus hay ciertas proteínas capaces de unirse específicamente a ciertas proteínas presentes en la membrana de la célula hospedadora. De acuerdo con una analogía muy utilizada en biología molecular, ambas proteínas encajan como una llave y su cerradura, siendo ese encaje lo que desencadena las transformaciones que permiten al virus ingresar a la célula. Pues bien, resulta que el análisis molecular reveló que el ajuste entre la “llave” del SARS CoV2 y su correspondiente “cerradura” en las células humanas dista mucho de ser óptimo. Si el virus hubiera sido deliberadamente diseñado por humanos, entonces, esperaríamos que dicho ajuste fuera especialmente adecuado, pero no lo es. Para más detalles, la “llave” del SARS CoV2 es muy semejante, en cuanto a su grado de encaje con la “cerradura” humana, a la “llave” del Pang CoV (el coronavirus presente en pangolines), pero, aunque no perfecta, alcanza para abrir la puerta. Esto demuestra que dicha “llave” puede evolucionar por selección natural, observación que refuerza la idea de que no se trata de una versión diseñada intencionalmente. En síntesis, tanto el análisis filogenético como el estructural indican que el SARS CoV2 es producto de la evolución por selección natural, y no del diseño deliberado.

¿Puede interpretarse esta pandemia como una reacción defensiva del planeta frente a la agresión humana?

Esta idea es una de muchas que pueden considerarse expresiones de una gran metáfora que nos invita a pensar al planeta todo *como si* fuera un organismo. El químico de la atmósfera James Lovelock es el autor de la versión científica de esta hipótesis, y utilizó el término griego “Gaia”³ (que se pronuncia Guea) para referirse al planeta-organismo. Si el planeta *es como* un organismo, entonces, los procesos ecológicos *serían como* el metabolismo de dicho organismo. En esa línea, sería esperable que este planeta-organismo dispusiera

de algo análogo a un sistema inmunitario que le permita defenderse del crecimiento descontrolado de organismos que pongan en peligro su subsistencia. Desde ya, ese organismo patógeno seríamos nosotros, los humanos. Así, es común ver en las redes sociales la sugerencia de que tsunamis o cualquier otro evento que produce una alta mortalidad humana constituye una reacción defensiva del planeta ante una especie dañina (nosotros) que contamina, altera el clima, etc.

Ahora bien, ¿Qué nos dice la teoría de la evolución sobre esta tentadora idea? Lo más pertinente aquí es recordar que el único mecanismo conocido capaz de producir adaptaciones es la selección natural, y que el sistema inmunitario de un organismo es un caso paradigmático de adaptación compleja. Así, solo una entidad producto de la selección natural (o bien del diseño deliberado) podría exhibir algo semejante a un sistema inmunitario o, por caso, cualquier otro rasgo auténticamente adaptativo. Como bien sabemos, los planetas no son producto de la selección natural (no se reproducen, no sufren mutaciones, etc.), por lo que no exhiben auténticos rasgos adaptativos. Lo que sí sucede es que cada especie se ha adaptado a su ambiente, formado tanto por los demás organismos como por su entorno no biológico. El resultado de millones de años de continua adaptación es que todas las formas vivas están íntimamente relacionadas entre sí y, además, con los aspectos no vivos del planeta (clima, composición química de los océanos, etc.). Estas relaciones son infinitamente complejas y altamente interdependientes. No es raro, por eso, observar que, de un modo más o menos directo, la acción de los seres vivos contribuye a mantener las condiciones físico-químicas del planeta, que a su vez actúan sobre la existencia de esos mismos organismos. Esto genera la ilusión de una suerte de “homeostasis”⁴ planetaria. Así, se dice, por ejemplo -y muy correctamente

2. Recordemos que todos los virus son “parásitos obligados” de las células. Los virus no son organismos celulares sino partículas formadas por una pequeña cantidad de material genético (ADN o ARN) envuelta en una cápsula de proteína y, en ocasiones, con alguna otra cubierta externa, en muchos casos -como en el del SARS CoV2- formada por membrana que el virus “roba” a las células infectadas. Así, el virus carece de los recursos necesarios para fabricar copias de sí mismo. Por tal motivo, debe invadir y manipular algún tipo de célula de modo de “secuestrar” la maquinaria metabólica celular para que ella se encargue de fabricar las nuevas copias del virus. Para ello, el virus debe ingresar en alguna célula y “colar” su material genético. Los genes son una suerte de receta para fabricar las proteínas que construyen y regulan al organismo. Así, cuando el virus cuela su ADN en el de la célula, esta lee la receta para fabricar virus, produciendo miles nuevas copias que luego invadirán más células.

3. El nombre deriva de la antigua diosa que representa a la Tierra en la mitología griega.

4. La “homeostasis” es el conjunto de procesos metabólicos de autorregulación de un organismo que permiten que las variables físicoquímicas en dicho organismo se mantengan dentro de los parámetros compatibles con la subsistencia del organismo en cuestión.

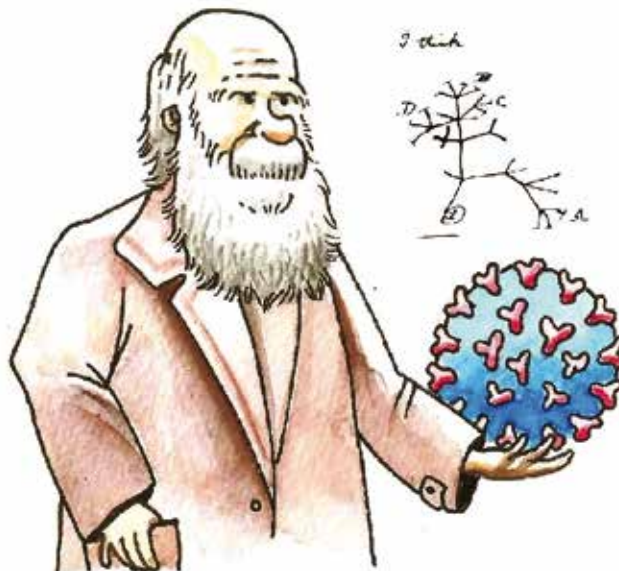


Ilustración: Leonardo González Galli.

te-, que los árboles de las selvas tropicales ayudan a regular el clima que les permite seguir existiendo. Sin embargo, la razón por la que los organismos hacen lo que hacen no reside en una eventual contribución (que puede ser perfectamente real) al mantenimiento del todo planetario sino en la ventaja que esas acciones implican para el éxito reproductivo inmediato de ese organismo individual. La selección, según la entendemos, no favorecería la evolución de un rasgo solo porque sea conveniente para, por ejemplo, mantener los niveles de humedad atmosférica adecuados para la vida. En síntesis, la idea de que el planeta todo *es como* un organismo y, más específicamente, de que esta pandemia podría ser uno de sus mecanismos de defensa contra un organismo nocivo, es incompatible con la teoría de la evolución (ver Organismos y planetas ¿Es La tierra un “super-organismo”? , en *Si Muove*, 4). Es cierto que la metáfora del planeta-organismo tiene algunas virtudes. Por ejemplo, nos ayuda a tomar conciencia de los altos niveles de dependencia mutua entre todos los componentes –vivos y no vivos- del planeta y, de ese modo, favorece una perspectiva holística que, de hecho, nos ayuda a repensar nuestro modo de habitar este mundo. Sin embargo, la metáfora tiene otras implicancias menos agradables. Para notar ese “lado oscuro” de la metáfora basta con preguntarse, siguiendo la metáfora, qué se hace con los patógenos o plagas... Y cuando leemos entre líneas (o no tan entre líneas en ocasiones) los tex-

tos que proponen pensar a la humanidad como un patógeno o una plaga, pronto descubrimos que “la humanidad” se refiere, en realidad, a ciertas poblaciones que siempre resultan ser las mayorías, es decir, aquellas de bajos recursos (que tienen altas tasas de natalidad, etc.). Así, esta perspectiva lleva a una mirada misantrópica, en el mejor de los casos, o racista, clasista y eugenésica en el peor. Creo que estas razones son más que suficientes para evitar esta analogía.

En este artículo busqué mostrar cómo la teoría de la evolución, y más específicamente la idea de selección natural, constituye una “herramienta conceptual” que nos permite abordar algunas grandes preguntas en relación con la actual pandemia de COVID 19. Hay aún muchos otros aspectos de este fenómeno que podríamos abordar desde la biología evolutiva. Por ejemplo, la comprensión de cómo y por qué la cría intensiva de animales domésticos favorece la evolución de patógenos especialmente virulentos en esos animales, que luego pueden “saltar” a la especie humana. También nos ayuda a pensar qué condiciones ambientales deberían darse para que el virus evolucionara hacia formas más o menos virulentas. Pero esas cuestiones serán, eventualmente, materia de análisis para futuras entregas de “Evolución a la deriva”. ■ ■ ■

Por Leonardo González Galli

CONICET

Instituto de Investigaciones CeFIEC - FCEN - UBA

LECTURAS SUGERIDAS

- Crawford, D. 2002. *El enemigo invisible. La historia secreta de los virus*. Barcelona: Ediciones Península.
- González Galli, L. 2012. Organismos y planetas ¿Es La tierra un “super-organismo”? *Si Muove*, 4, 11-15.
- González Galli, L. 2013. La orquídea balde y otros diez millones de especies. *Azara*, 1, 62-66.
- González Galli, L. 2017. ¿Es perfecta la naturaleza? *Azara*, 5, 32-37.
- Lovelock, J. 1985. *Gaia. Una nueva visión de la vida sobre la Tierra*. Barcelona: Ediciones Orbis.
- Nesse, R. y Williams, G. 2000. *¿Por qué enfermamos?* Barcelona: Grijalbo Mondadori.

SOBRE LOS PROTAGONISTAS

Mammalia - Chiroptera (murciélagos: Orden de mamíferos caracterizados por la capacidad de vuelo. Sus miembros anteriores se encuentran modificados en relación con la función del vuelo formando alas).

Mammalia - Pholidota (pangolines: Orden de mamíferos caracterizados, entre otros rasgos, por tener el cuerpo cubierto de escamas dérmicas. Son víctimas frecuentes de la caza para el consumo de su carne y para la medicina tradicional china).